

<https://doi.org/10.25557/2073-7998.2023.12.52-58>

Генетическое разнообразие и идентификационная информативность 43 аутосомных STR-маркеров в популяциях аварцев

Вагайцева К.В.¹, Колесников Н.А.¹, Скалин М.Д.², Харьков В.Н.¹, Раджабов М.О.³, Степанов В.А.¹

1 – Томский национальный исследовательский медицинский центр Российской академии наук, Научно-исследовательский институт медицинской генетики
634050, г. Томск, ул. Набережная реки Ушайки, д. 10

2 – ФГБУН Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук
119991, ГСП-1, г. Москва, ул. Губкина, д. 3

3 – Институт физики им. Х.И. Амирханова - обособленное подразделение ФГБУН Дагестанского федерального исследовательского центра Российской академии наук
367015, г. Махачкала, ул. М. Ярагского, д. 94

Проведена оценка уровня генетического разнообразия, вероятности дискриминации неродственных индивидов (PD, power of discrimination) и исключаяющей способности (PE, power of exclusion) 43 аутосомных STR (D3S1358, TH01, D12S391, D5S818, TPOX, D13S317, FGA, D22S1045, D18S51, D16S539, D8S1179, CSF1PO, D6S1043, vWA, D21S11, SE33, D10S1248, D1S1656, D19S433, D2S1338, D20S1082, D6S474, D12ATA63, D4S2666, D1S1677, D11S4463, D9S1122, D2S1776, D10S1435, D3S3053, D5S2500, D1S1627, D3S4529, D2S1360, D17S974, D3S1744, D9S2157, D17S1301, D8S1132, Penta D, D21S2050, D7S1517, Penta E) в популяциях аварцев из трех районов Дагестана: Шамильского, Тляратинского, Унцукульского. Полученные результаты показали, что для проведения генетической экспертизы в Дагестане, при выборе референсной группы, необходимо учитывать не только этническую принадлежность индивида, но и географическую локализацию.

Ключевые слова: ДНК-идентификация, популяционная генетика, аутосомные STR, генетическая экспертиза, референсная база данных.

Для цитирования: Вагайцева К.В., Колесников Н.А., Скалин М.Д., Харьков В.Н., Раджабов М.О., Степанов В.А. Генетическое разнообразие и идентификационная информативность 43 аутосомных STR-маркеров в популяциях аварцев. *Медицинская генетика* 2023; 22(12): 52-58.

Автор для корреспонденции: Вагайцева К.В.; e-mail: kseniya.simonova@medgenetics.ru

Финансирование. Работа выполнена в рамках Государственного задания Министерства науки и высшего образования № 122112800026-1

Конфликт интересов: Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Поступила 30.11.2023

Genetic diversity and identification information content of 43 autosomal STR markers in Avarian populations

Vagaitseva K.V.¹, Kolesnikov N.A.¹, Skalin M.D.², Kharkov V.N.¹, Radzhabov M.O.³, Stepanov V.A.¹

1 – Research Institute of Medical Genetics, Tomsk NRMС
10, Naberejnaya Ushaiki, Tomsk, 634050, Russian Federation

2 – Vavilov Institute of General Genetics Russian Academy of Sciences
3, Gubkina st., Moscow, 119333, Russian Federation

3 – Institute of Physics. HI Amirkhanova Dagestan Scientific Center, Russian Academy of Sciences
94, M. Yaragskogo st., Makhachkala, 367015, Russian Federation

We assessed the level of genetic diversity, power of discrimination, power of exclusion of 43 autosomal STRs (D3S1358, TH01, D12S391, D5S818, TPOX, D13S317, FGA, D22S1045, D18S51, D16S539, D8S1179, CSF1PO, D6S1043, vWA, D21S11, SE33, D10S1248, D1S1656, D19S433, D2S1338, D20S1082, D6S474, D12ATA63, D4S2666, D1S1677, D11S4463, D9S1122, D2S1776, D10S1435, D3S3053, D5S2500, D1S1627, D3S4529, D2S1360, D17S974, D3S1744, D9S2157, D17S1301, D8S1132, Penta D, D21S2050, D7S1517, Penta E) in Avar populations from three regions of Dagestan: Shamilsky district, Tlyaratinsky district, Untsukulsky district. The results emphasized the need to take into account the geographic origin of the individual, and not just his nationality, when choosing reference data during genetic examination in the populations of Dagestan.

Keywords: forensic genetics, population genetics, autosomal STRs, reference database.

For citation: Vagaitseva K.V., Kolesnikov N.A., Skalin M.D., Kharkov V.N., Radzhabov M.O., Stepanov V.A. Genetic diversity and identification information content of 43 autosomal STR markers in Avarian populations. *Medical genetics [Medicinskaya genetika]*. 2023; 22(12): 52-58 (In Russ.)

Corresponding author: Vagaitseva K.V.; **e-mail:** kseniya.simonova@medgenetics.ru

Funding. The work was carried out according to the State assignment of the Ministry of Science and Higher Education No. 122112800026-1.

Conflict of Interest. The authors declare no conflict of interest.

Accepted: 30.11.2023

Введение

Эффективность генетической экспертизы по определению родственных отношений зависит не только от количества маркеров, включенных в используемый коммерческий мультиплекс, но и от генетико-демографической истории популяции, из которой происходят анализируемые индивиды. В популяциях с низким уровнем генетического разнообразия достоверно отличить родственников от неродственных индивидов сложнее, при этом использование неподходящих референсных частот при вероятностных расчетах повышает долю ложноположительных результатов [1, 2].

Влияние эффекта основателя, отсутствие потока генов между локальными популяциями связанное с географической изолированностью и культурные особенности (высокая частота эндогамных и инбредных браков), характерные для народов Дагестана, привели к формированию популяций с низким уровнем генетического разнообразия и значительной межпопуляционной генетической дифференциацией [3]. Известно, что показатель коэффициента геномного инбридинга в нескольких популяциях Дагестана достигает мирового максимума ($F_{ROH} > 1,5$). Например, показатель для гинухцев схож лишь с уровнем инбридинга в изолированной популяции индейцев каритиана из бразильской Амазонии [4,5].

Все вышесказанное подчеркивает важность использования референсных частот полученных на однородных выборках коренных этносов Дагестана при проведении вероятностных расчетов в ДНК-идентификации.

В данной публикации мы приводим значения частот аллелей 43 аутосомных микросателлитных маркеров (STR) в популяциях аварцев. Двадцать STR входят в международные стандарты (CODIS, Combined DNA Index System и ESS, European set of standard markers), остальные являются нестандартными генетическими маркерами и используются для увеличения надежности и эффективности генетической экспертизы.

Методы

Проведение настоящего исследования одобрено Комитетом по биомедицинской этике Научно-исследовательского института медицинской генетики Томского НИМЦ (протокол номер 15 от 28.02.23).

Материалом исследования послужили выборки аварцев из трех районов Дагестана: 72 индивида из Шамильского района (ШР), 71 индивид из Тляратинского района (ТР), 43 индивида из Унцукульского района (УР). Забор венозной крови у доноров проводили с соблюдением процедуры письменного информированного согласия на проведение исследования. На каждого донора составлялась анкета с его родословной, указанием этнической принадлежности и мест рождения предков. Индивиды относили к данной этнической группе на основании его собственной этнической идентификации. Генотипирование образцов по аутосомным STR-маркерам проводили методом мультиплексной полимеразной цепной реакции с последующим анализом продуктов амплификации на автоматическом генетическом анализаторе как описано ранее [6]. В работе использовалось два мультиплексных набора. Мультиплекс COrDIS ЭКС-ПЕПТ 26 (Gordiz, Россия) содержит стандартные для ДНК-идентификации аутосомные STR маркеры. С его помощью были прогенотипированы локусы D3S1358, TH01, D12S391, D5S818, TPOX, D13S317, FGA, D22S1045, D18S51, D16S539, D8S1179, CSF1PO, D6S1043, vWA, D21S11, SE33, D10S1248, D1S1656, D19S433, D2S1338. Нестандартные 23 STR-маркера были проанализированы с помощью разрабатываемого нами совместно с компанией Gordiz мультиплекса в рамках Государственного задания Министерства науки и высшего образования № 122112800026-1: D20S1082, D6S474, D12ATA63, D4S2666, D1S1677, D11S4463, D9S1122, D2S1776, D10S1435, D3S3053, D5S2500, D1S1627, D3S4529, D2S1360, D17S974, D3S1744, D9S2157, D17S1301, D8S1132, Penta D, D21S2050, D7S1517, Penta E.

Оценку соответствия распределений генотипов равновесию Харди–Вайнберга, значения ожидаемой и наблюдаемой гетерозиготности, оценку межпопуляционных генетических расстояний по Нею проводи-

ли с использованием программного средства Arlequin v. 3.5 [7]. Частоты аллелей и стандартные криминалистические параметры маркеров (вероятность дискриминации неродственных индивидов (PD, power of discrimination), исключаяющей способности (PE, power of exclusion) рассчитывали стандартным способом с помощью программного пакета MS Excel.

Экспериментальные исследования проведены на базе Центра коллективного пользования научно-исследовательским оборудованием «Медицинская геномика» (НИИ медицинской генетики Томского НИМЦ).

Результаты и обсуждение

Для всех трех выборок выявлено накопление локусов, в которых распределение генотипов отклоняется от соотношения Харди-Вайнберга, при этом только два локуса показали отклонение во всех трех популяциях (vWA, PentaD). Распределения генотипов локусов D22S1045, vWA, D2S1338, D5S2500, D1S1627, D8S1132, Penta D отклоняются от равновесия Харди-Вайнберга в популяции аварцев Шамильского района. В популяции аварцев Унцукульского района отклонения зафиксированы в локусах vWA, D21S11, CSF1PO, D5S2500, Penta D. В популяции аварцев Тляртинского района отклоняющихся локусов оказалось больше всего: D3S1358, TH01, TPOX, D22S1045, D18S51, vWA, D21S11, D3S3053, D1S1627, D3S1744, Penta D. Во всех случаях, кроме локуса D2S1338 (аварцы Шамильского района), значения наблюдаемого уровня гетерозиготности ниже ожидаемого (табл. 1). Такое снижение генетического разнообразия может быть связано с действием дрейфа генов, инбридингом, эндогамией и характерно для малых изолированных популяций.

Анализ генетических расстояний по Нею обнаружил наличие значимых генетических дистанций между тремя группами аварцев. Полученные результаты показали, что наиболее отдаленной от двух других является популяция аварцев Шамильского района (ШР/ТР $0,025 \pm 0,000$, ШР/УР $0,031 \pm 0,000$), популяции Унцукульского и Тляртинского районов оказались более близки ($0,024 \pm 0,000$).

Средние значения ожидаемой гетерозиготности по 43 STR-маркерам в трех выборках варьировали от 0,763 до 0,766. При этом набор 20 стандартных ДНК-идентификационных маркеров показал более высокий уровень генетического разнообразия (ШР: 0,773, УР: 0,796, ТР: 0,783), чем дополнительные нестандартные маркеры (ШР: 0,755, УР: 0,737, ТР: 0,752).

Наибольшее суммарное число аллелей по 43 STR-маркерам в популяциях аварцев было показано для выборки Тляртинского района – 373 аллеля, из них 199 аллелей локусов стандартных аутосомных STR. В выборке Унцукульского района было выявлено 350 аллелей по 43 маркерам, для этой выборки характерно наибольшее число аллелей нестандартных aSTR (188). Наименьшее суммарное число аллелей выявлено в популяции Шамильского района (стандартные STR: 167, не стандартные STR: 175). Полученные значения сравнительно невысоки, к примеру, в популяции русских суммарное число аллелей 20 стандартных aSTR составляет 228, а у белорусов – 250 [8].

Таким образом, становится очевидным, что для проведения генетической экспертизы в Дагестане при выборе референсной группы необходимо учитывать не только этническую принадлежность индивида, но и географическую локализацию. В связи с этим референсные частоты формировались для каждой популяционной выборки отдельно. Ознакомиться с референсными данными можно на сайте НИИ медицинской генетики Томского НИМЦ (<http://medgenetics.ru/web-resources/>). Полокусные значения показателей идентификационной информативности 43 аутосомных STR в трех популяциях аварцев представлены в табл. 2 и 3.

Вероятность дискриминации неродственных индивидов (PD, Power of Discrimination) отражает уровень информативности системы при прямой идентификации личности, исключаяющая способность (PE, Power of Exclusion) – при определении родства. В трех популяциях суммарные значения показателя PD равняются 1 во всех вариантах наборов маркеров (стандартные aSTR, не стандартные aSTR, все 43 анализируемые в работе aSTR). Вариация значения показателя PE представлена на рисунке, для сравнения были привлечены сведения об уровне исключаяющей способности в популяции русских. Из графика видно, что наименьшая информативность при определении родства с использованием 20 стандартных аутосомных маркеров характерна для популяции аварцев Тляртинского района.

Заключение

Полученные результаты показали, что референсная база данных частот аллелей используемых генетических маркеров в Дагестане должна включать данные, характеризующие не только этнические группы,

Таблица 1. Значения наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности исследуемых локусов в трех популяциях аварцев и отклонение от равновесия Харди-Вайнберга

Table 1. Observed and expected heterozygosity and deviation from Hardy-Weinberg equilibrium of the studied loci in three Avar populations

Локус	Шамильский район				Унцукульский район				Тляратинский район			
	Ho	He	p	s.d.	Ho	He	p	s.d.	Ho	He	p	s.d.
D3S1358	0,736	0,788	0,173	0,000	0,767	0,786	0,596	0,000	0,592	0,745	0,002	0,000
TH01	0,764	0,742	0,555	0,000	0,674	0,767	0,300	0,000	0,690	0,697	0,014	0,000
D12S391	0,847	0,879	0,601	0,000	0,767	0,811	0,572	0,000	0,887	0,881	0,155	0,000
D5S818	0,690	0,718	0,659	0,000	0,767	0,797	0,570	0,001	0,671	0,754	0,275	0,000
TPOX	0,667	0,772	0,078	0,000	0,744	0,722	0,967	0,000	0,521	0,616	0,023	0,000
D13S317	0,681	0,639	0,279	0,000	0,744	0,717	0,194	0,000	0,662	0,734	0,104	0,000
FGA	0,803	0,823	0,448	0,000	0,791	0,834	0,589	0,000	0,789	0,820	0,158	0,000
D22S1045	0,639	0,741	0,000	0,000	0,744	0,761	0,357	0,000	0,549	0,716	0,013	0,000
D18S51	0,757	0,841	0,257	0,000	0,767	0,808	0,721	0,000	0,725	0,854	0,016	0,000
D16S539	0,750	0,760	0,151	0,000	0,860	0,784	0,335	0,000	0,789	0,823	0,979	0,000
D8S1179	0,736	0,710	0,857	0,000	0,814	0,819	0,240	0,001	0,746	0,786	0,820	0,000
CSF1PO	0,722	0,646	0,303	0,001	0,512	0,695	0,014	0,000	0,662	0,700	0,467	0,001
D6S1043	0,764	0,765	0,387	0,000	0,860	0,850	0,864	0,000	0,746	0,777	0,103	0,000
vWA	0,611	0,784	0,000	0,000	0,535	0,817	0,000	0,000	0,620	0,826	0,000	0,000
D21S11	0,750	0,792	0,073	0,000	0,615	0,850	0,003	0,000	0,648	0,806	0,014	0,000
SE33	0,903	0,921	0,949	0,000	0,884	0,937	0,376	0,000	0,915	0,939	0,815	0,000
D10S1248	0,681	0,725	0,878	0,000	0,767	0,748	0,151	0,000	0,676	0,663	0,343	0,000
D1S1656	0,833	0,870	0,831	0,000	0,884	0,880	0,120	0,000	0,845	0,872	0,414	0,000
D19S433	0,708	0,693	0,422	0,000	0,674	0,745	0,532	0,000	0,732	0,776	0,333	0,000
D2S1338	0,861	0,850	0,040	0,000	0,814	0,802	0,737	0,001	0,859	0,870	0,727	0,000
D20S1082	0,681	0,674	0,559	0,000	0,767	0,686	0,515	0,000	0,746	0,745	0,142	0,000
D6S474	0,819	0,787	0,249	0,000	0,810	0,809	0,742	0,000	0,789	0,774	0,757	0,000
D12ATA63	0,806	0,833	0,540	0,000	0,674	0,779	0,377	0,000	0,718	0,706	0,767	0,000
D4S2666	0,653	0,666	0,078	0,000	0,674	0,743	0,124	0,000	0,732	0,743	0,717	0,000
D1S1677	0,750	0,713	0,210	0,000	0,605	0,669	0,550	0,000	0,690	0,712	0,603	0,001
D11S4463	0,667	0,719	0,419	0,000	0,692	0,728	0,750	0,000	0,574	0,739	0,123	0,000
D9S1122	0,681	0,688	0,560	0,000	0,605	0,603	0,097	0,000	0,718	0,708	0,865	0,000
D2S1776	0,690	0,790	0,392	0,000	0,600	0,709	0,177	0,000	0,758	0,732	0,353	0,001
D10S1435	0,653	0,714	0,238	0,000	0,814	0,750	0,288	0,000	0,714	0,713	0,400	0,000
D3S3053	0,746	0,656	0,412	0,000	0,581	0,602	0,213	0,000	0,549	0,654	0,047	0,000
D5S2500	0,514	0,682	0,005	0,000	0,500	0,623	0,015	0,000	0,629	0,646	0,344	0,000
D1S1627	0,625	0,682	0,003	0,000	0,605	0,613	0,534	0,001	0,507	0,668	0,005	0,000
D3S4529	0,736	0,738	0,957	0,000	0,884	0,762	0,384	0,000	0,704	0,704	0,800	0,000
D2S1360	0,750	0,780	0,456	0,001	0,837	0,848	0,585	0,000	0,859	0,873	0,505	0,000
D17S974	0,778	0,730	0,642	0,000	0,674	0,691	0,405	0,001	0,732	0,711	0,050	0,000
D3S1744	0,775	0,804	0,370	0,000	0,837	0,857	0,079	0,000	0,704	0,778	0,008	0,000
D9S2157	0,792	0,800	0,336	0,000	0,744	0,753	0,489	0,000	0,732	0,811	0,182	0,000
D17S1301	0,708	0,684	0,600	0,001	0,651	0,623	1,000	0,000	0,746	0,677	0,668	0,000
D8S1132	0,653	0,790	0,003	0,000	0,860	0,802	0,173	0,000	0,746	0,793	0,327	0,000
Penta D	0,653	0,780	0,000	0,000	0,698	0,826	0,045	0,000	0,789	0,836	0,006	0,000
D21S2050	0,889	0,888	0,182	0,000	0,884	0,876	0,799	0,000	0,803	0,869	0,061	0,000
D7S1517	0,889	0,867	0,685	0,000	0,744	0,759	0,242	0,001	0,873	0,837	0,910	0,000
Penta E	0,944	0,892	0,575	0,001	0,814	0,851	0,509	0,000	0,859	0,859	0,842	0,000

Примечание: Ho — наблюдаемая гетерозиготность, He — ожидаемая гетерозиготность, жирным шрифтом выделены значения указывающие на отклонение от равновесия Харди-Вайнберга

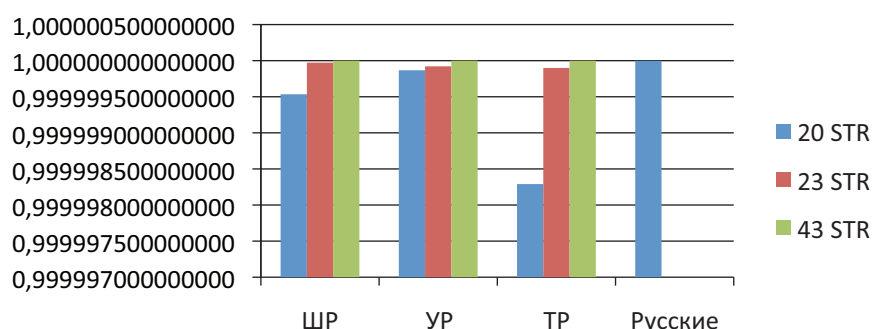


Рисунок. Уровень исключающей способности

Figure. Power of Exclusion level

Таблица 2. Значения криминалистических показателей стандартных аутосомных STR

Table 2. Forensic indicators of standard autosomal STRs

	PD	PE	PD	PE	PD	PE
	ШР		УР		ТР	
D3S1358	0,917	0,486	0,904	0,540	0,884	0,281
TH01	0,860	0,534	0,896	0,390	0,847	0,413
D12S391	0,962	0,689	0,928	0,540	0,957	0,770
D5S818	0,865	0,413	0,911	0,540	0,891	0,385
TPOX	0,903	0,379	0,861	0,500	0,790	0,207
D13S317	0,770	0,399	0,818	0,500	0,890	0,372
FGA	0,858	0,340	0,889	0,500	0,869	0,234
D22S1045	0,858	0,340	0,889	0,500	0,869	0,234
D18S51	0,947	0,522	0,929	0,540	0,951	0,467
D16S539	0,893	0,510	0,896	0,716	0,939	0,578
D8S1179	0,885	0,486	0,919	0,625	0,918	0,504
CSF1PO	0,807	0,463	0,843	0,198	0,851	0,372
D6S1043	0,907	0,534	0,943	0,716	0,907	0,504
vWA	0,891	0,304	0,915	0,220	0,898	0,315
D21S11	0,978	0,801	0,971	0,762	0,979	0,811
SE33	0,917	0,510	0,936	0,310	0,885	0,236
D10S1248	0,875	0,399	0,863	0,540	0,836	0,392
D1S1656	0,962	0,662	0,946	0,762	0,958	0,685
D19S433	0,847	0,441	0,899	0,390	0,916	0,480
D2S1338	0,938	0,717	0,913	0,625	0,957	0,713

Таблица 3. Значения криминалистических показателей не стандартных аутосомных STR**Table 3.** Forensic indicators of non-standard autosomal STRs

Locus:	PD	PE	PD	PE	PD	PE
	ШР		УР		ТР	
D20S1082	0,826	0,399	0,829	0,540	0,870	0,504
D6S474	0,902	0,636	0,914	0,617	0,903	0,578
D12ATA63	0,941	0,609	0,910	0,390	0,865	0,457
D4S2666	0,836	0,359	0,874	0,390	0,895	0,480
D1S1677	0,844	0,510	0,835	0,296	0,859	0,413
D11S4463	0,883	0,379	0,881	0,416	0,891	0,260
D9S1122	0,918	0,413	0,853	0,291	0,875	0,523
D2S1776	0,918	0,413	0,853	0,291	0,875	0,523
D10S1435	0,864	0,359	0,863	0,625	0,851	0,451
D3S3053	0,788	0,504	0,757	0,269	0,828	0,234
D5S2500	0,840	0,200	0,765	0,188	0,803	0,327
D1S1627	0,835	0,322	0,791	0,296	0,838	0,194
D3S4529	0,878	0,486	0,863	0,762	0,865	0,435
D2S1360	0,915	0,510	0,941	0,670	0,959	0,713
D17S974	0,872	0,558	0,846	0,390	0,829	0,480
D3S1744	0,921	0,553	0,932	0,670	0,902	0,435
D9S2157	0,925	0,584	0,898	0,500	0,928	0,480
D17S1301	0,831	0,441	0,778	0,357	0,819	0,504
D8S1132	0,910	0,359	0,899	0,716	0,926	0,504
Penta D	0,896	0,359	0,922	0,425	0,932	0,578
D21S2050	0,962	0,773	0,954	0,762	0,955	0,604
D7S1517	0,954	0,773	0,889	0,500	0,944	0,741
Penta E	0,965	0,887	0,946	0,625	0,953	0,713

но и формироваться на основе анализа этнической выборки каждого конкретного района.

Представленные данные позволят увеличить надежность генетической экспертизы, определяющей родственные отношения аварцев трех районов горного территориального округа. В тех же случаях, когда подходящие референсные частоты не доступны или выбрать точную референсную группу невозможно, мы рекомендуем использовать дополнительные тест системы

(например, включающие X-STR или Y-STR маркеры) для увеличения надежности экспертизы.

Литература

1. Rohlf's R.V., Fullerton S.M., Weir B.S. Familial identification: population structure and relationship distinguishability. PLoS Genet. 2012; 8(2): e1002469.
2. Zvenigorosky V., Sabbagh A., Gonzalez A, Fausser J.L. et al. The limitations of kinship determinations using STR data in ill-defined populations. Int J Legal Med. 2020; 134(6): 1981-1990.

3. Булаева К. Б., Давудов О.М., Павлова Т.А. и др. Генетическая подразделенность этнических популяций Дагестана. *Генетика*. 2003; 39(1): 83-92.
4. Колесников Н.А., Харьков В.Н., Зарубин А.А., Раджабов М.О. и др. Особенности геномного распределения регионов высокой гомозиготности у коренного населения северной Евразии на индивидуальном и популяционном уровнях на основе анализа SNP высокой плотности. *Генетика*. 2021; 57(11): 1261-1275.
5. Колесников Н.А., Харьков В.Н., Раджабов М.О. и др. Различия по уровню инбридинга в популяциях Дагестана: анализ регионов высокой гомозиготности. *Медицинская генетика*. 2020; 19(7): 21-22.
6. Степанов В.А., Балановский О.П., Мельников А.В. и др. Характеристика популяций Российской Федерации по панели пятнадцати локусов, используемых для ДНК-идентификации и в судебно-медицинской экспертизе. *Acta Naturae*. 2011; 3(2): 59-71.
7. Excoffier L., Lischer H.E. L. Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*. 2010; 10: 564-567.
8. Харьков В.Н., Котова С.А., Колесников Н.А. и др. Генетическое разнообразие 21 аутосомного STR-маркера системы CODIS в популяциях Восточной Европы. *Генетика*. 2021; 57(12):1396-1402.
2. Zvenigorosky V., Sabbagh A., Gonzalez A, Fausser J.L. et al. The limitations of kinship determinations using STR data in ill-defined populations. *Int J Legal Med*. 2020; 134(6): 1981-1990.
3. Bulaeva K.B., Davudov O.M., Pavlova T.A., et al. Geneticheskaia podrazdelennost' étnicheskikh populiatsii Dagestana [Genetic subdivision of Dagestan ethnic populations]. *Genetika*. 2003;39(1):83-92. (In Russ.)
4. Kolesnikov N.A., Kharkov V.N., Zarubin A.A., Radzhabov M.O., et al. Features of the Genomic Distribution of Runs of Homozygosity in the Indigenous Population of Northern Eurasia at the Individual and Population Levels Based on High Density SNP Analysis. *Russian Journal of Genetics*. 2021; 57(11): 1271-1284.
5. Kolesnikov N.A., Kharkov V.N., Radzhabov M.O., et al. Razlichiya po urovnyu inbridinga v populyatsiyakh Dagestana: analiz regionov vysokoy gomozigotnostiyu [Differences in the level of inbreeding in populations of Dagestan: analysis of runs of homozygosity]. *Meditsinskaya genetika* [Medical Genetics]. 2020;19(7):21-22. (In Russ.).
6. Stepanov V.A., Balanovsky O.P., Melnikov A.V., et al. Characteristics of Populations of the Russian Federation over the Panel of Fifteen Loci Used for DNA Identification and in Forensic Medical Examination. *Acta Naturae*. 2011;3(2):56-67.
7. Excoffier L., Lischer H.E. L. Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*. 2010; 10: 564-567.
8. Kharkov V. N., Kotova S. A., Kolesnikov N. A., et al. и др. Genetic Diversity of 21 Autosomic STR Markers of the CODIS System in Populations of Eastern Europe. *Russian Journal of Genetics*. 2021; 57(12):1408-1414.

References

1. Rohlf S.R., Fullerton S.M., Weir B.S. Familial identification: population structure and relationship distinguishability. *PLoS Genet*. 2012; 8(2): e1002469.